

Fig. 1

Fig. 2

ICTB : 471	TGTCAGTGTCTACGGCCTCAACCAATGGATCTACGGCGTTGAAGAGCTGGCGACTTGGGT	530
SLR : 483	GGTGGGAGTTACGGTCTGCGACAACAGGTGGACGGGTAGAACAGTTAGCCACTTGGAA	542
ICTB : 531	GGATCGCAACTCGGTTGCCGACTTCACCTCACGGGTTTACAGCTATCTGGGCAACCCCAA	590
SLR : 543	TGACCCCACTCTACCTTGGCCCAAGCCACTAGGGTATATAGCTTTTAGGTAAATCCAA	602
ICTB : 591	CCTGTGGCTGCTTATCTGTGTGCCGACGACTGCCTTTT-CTGCAGCAGCGATCGGGTGT	649
SLR : 603	TCTCTTGGCGGCTTACCTGTGTGCCCATGACGGGTTTGAGCTTGAGT-GCCCTGGTGTAT	661
ICTB : 650	GGCGGGCTGGCTCCCAAGCTGTGTGCCGATCG-CTGCGACAGGTGCGAGCAGCTTATGT	708
SLR : 662	GGCGAGGTGGTGGCCCAACTGCTGG-GAGCAACCATGGTGATTGTTAACCTACTCTGT	720
ICTB : 709	CTGATCCTCACCTACAGTCGGGTGGCTGGCTGGGTTTGTGCGCATGATTTTGTCTGG	768
SLR : 721	CTCTTTTATACCCAGAGCGGGCGGTTGGCTAGCAGTGTGCCCTGGGAGCTACCTTC	780
ICTB : 769	GCGTTATTAGGGCTCTACTGGTTTCAACCCCGTCTACCCGACCCCTGGCGACGCTGGCTA	828
SLR : 781	CTGGCCCTTTGTTACTTCTGTGTGTACCCCAATTACCCAAATTTTGGCAACGGTGTCT	840
ICTB : 829	TTCCCAAGTCGTATTGGGTGGACTAGTCGGGTGCTCTT-GGTGGCGGTGCTTGGACT---	884
SLR : 841	TTGCCCTTGGC-----GATCGCC--GTGGCGTTATATTAGTGGGGGAGCGTTGATTGCG	894
ICTB : 885	-TG-AGCCGTTGGCGGTGGCGGTTTGAGCATCTTTGTGGGGCGTGAAGACAGCAGCAAC	942
SLR : 895	GTGGAACCGATTGCACTCAGGGCCATGAGCATTTTGTGTCGGCGGGAAGACAGCAGTAAT	954

Fig. 2  
(Continued)

ICTB : 943	AACCTCCGGATCAATGCTCGCTGGCGGTGCTGCAGATGATTCGAAGATCGGCCTTGGCTG	1002
SLR :		
SLR : 955	AATTTCCGCATCAATGTTTGGGAGGGGTAAAGCCATGATCCGAGCCGCCCTATCATTT	1014
ICTB : 1003	GGCATCGGCCCGGGCAATACCGCCTTTAAACCTGGTTTATCCCCTCTATCAACAGGCGCGC	1062
SLR :		
SLR : 1015	GGCATTTGGCCCAAGGTAACGAAGCCTTTAAACCAAAATTTATCCTTACTATATATCGGCCCGCC	1074
ICTB : 1063	TTTACCGCGCTTGAGCGCCTACTCCGTCGCCGTGGAAGTCGCGGTGAGGGCGGACTACTG	1122
SLR :		
SLR : 1075	TTACCGGCCCTGAGTGCCTATTCCTTTACCTAGAAATTTTGGTGGAAACGGGTGTAGTT	1134
ICTB : 1123	GGCTTGA-CGGCCTTCGCTTGCGTGT-GCTGGTCACGGCGGTGACGGCGGTGCGGCAGG	1180
SLR :		
SLR : 1135	GCTTTACCTGTATGCTC-TGGCTGTTGGCCGTACCCCTAGGCAAAAGGC-GTAGAACTGG	1192
ICTB : 1181	TGAGCGGACTGCGGGCGGATCGCAATCCCC--AAGCCTTTTGGTTGATGGCTAGCTTGGC	1238
SLR :		
SLR : 1193	TTAAACG-CTGTCGC-CAACCCCTCGCCCCGGAGGCATCTGGATTATGGGGCTTTAGC	1250
ICTB : 1239	CGGTTGGCAGGAATGCTGGGTACGGTCTGTTTGATACCGTGTCTATCGACCGGAAGC	1298
SLR :		
SLR : 1251	GGCGATCATCGGTTTGTGGTCCACGGCATGGTAGATACAGTCTGCTACCGTCCCCCGGT	1310
ICTB : 1299	CAGTACGCTCTGGTGGCTCTGTATTGG--AGCGATCGCGAGTTTCTGG--CAGC-CCCAA	1353
SLR :		
SLR : 1311	GAGCACTTTGTGGTGG-TTGCTAGTGGCCATTG-TTGCTAGTCACTGAGCCAGCGCCCGAG	1368
ICTB : 1354	CCTTCCAAGCAACTCCCTCCAGAAGCCGAGCATTCAGACGAA	1395
SLR :		
SLR : 1369	GGCGGTTGGAGGCCAGTAAAGAA---GAAATGAGGACAAA	1407

ICTB : 1354 CCTTCCAGCACTCCCTCCAGAGCGGAGCATTCAGACGAA 1395  
 | | | | |  
 SUP : 1369 GCGCGTTTGAGGGCCAGTAGAA---GAATATGAGGCACAAA 1407

```

+++W++L F + PQ+WG S IHR L G ++W +S L EALG L+A+++ +APF
SLR : 5 I S I M R S L M F G G F S P Q E W G R G S V L H R L N G W G S W I Q A S V L M P H F E A L G T A L V A I F I A A P F 64

ICTB : 61 V P S S A L G L G L A A I A Y W A L L S L T D I D L R Q A T P I H W L V L L Y W G V D A L A T G L S P V R A A A L V G 120
++ LG+ + A+WALL+ D + TPIH LV YW + A+A G SPV+ AA G
SLR : 65 T S T T M L G I F M L L C C A F W A L L T F A D Q P G K G L T P I H V L F A Y W C I S A I A V G S P V K M A A S G 124

ICTB : 121 L A K L T Y L L V F A L A A R V L R N P R L R S L L F S V V V I T S L F S V Y G I N Q W I Y G V E L A T W V D R N 180
LAKLT L +F LAAR+L+N + + L +VV++ L V YGL Q + GVE+LATW D
SLR : 125 L A K L T A N L C L F I L A A R L L Q N K Q W I N R L V T V L L V G L V G S Y G L R Q Q V D G V E Q L A T W N D E T 184

ICTB : 181 S V A D F T S R V Y S Y L G N P N L L A A Y L V P T T A F S A A A I G V W R G W L P K L L A I A A T G A S S I C L I L T 240
S +R V Y S +L G N P N L L A A Y L V P T S +A+ V W R W P K L L + L C L T
SLR : 185 S T L A Q A T R V Y S F L G N P N L L A A Y L V P M T G L S L S A L V V W R R W P K L L G A T M V I V N L L C L F F T 244

ICTB : 241 Y S R G G W L G F V A M I F V W A L L G L Y W F Q P R L P A P W R R W L F P V V L G G L V A V L L V A V I G I E P L R V 300
SRGGWL +A+ + L +W+ P+LP W+RW P+ + V + A++ +E2+R+
SLR : 245 Q S R G G W L A V L A L G A T F L A L C Y F W W L P Q L P K F W Q R W S L P L A I A V A V I L G G A L I A V E P I R L 304

ICTB : 301 R V L S I F V G R E D S S N F R I N V W L A V L Q M I Q D R E W L G I G P G N T A F N L V P L Y P L Y Q Q A R F T A L S A 360
R +S I F G R E D S S N F R I N V W Y M I+ R P +G I G P G N A F N +Y P Y + R F T A L S A
SLR : 305 R A M S I F A G R E D S S N F R I N V W E G V K A M I R A P I I G I G P G N E A F N Q I P Y P Y M R P R F T A L S A 364

ICTB : 361 Y S V P L E V A V E G L L G L T A F A W L L L V T A V T A V R Q V S R L E R D R N F Q A F W L M A S L A G L A G M I G 420
YS+ LE+ VE G++G T W L L V T V V R R+ P+ W+W +LA + G+L
SLR : 365 Y S I Y L E I L V E T G V V G T C M L W L L A V T L G K G V E L V K R C R Q T L A P E G I W I M G A L A A I I G L L V 424

ICTB : 421 H G L F D T V L Y R P E A S T L W L C I G A I A S F W Q P S K O L P P E A E H S D E K M 467
HG+ DTV YRP STLNLW + +AS W ++ +E+ D++
SLR : 425 H G M V D T V T Y R P P V S T L W L L V A I V A S Q W A S A Q A R L E A S K E E N E D K P L 471

```

Fig. 3

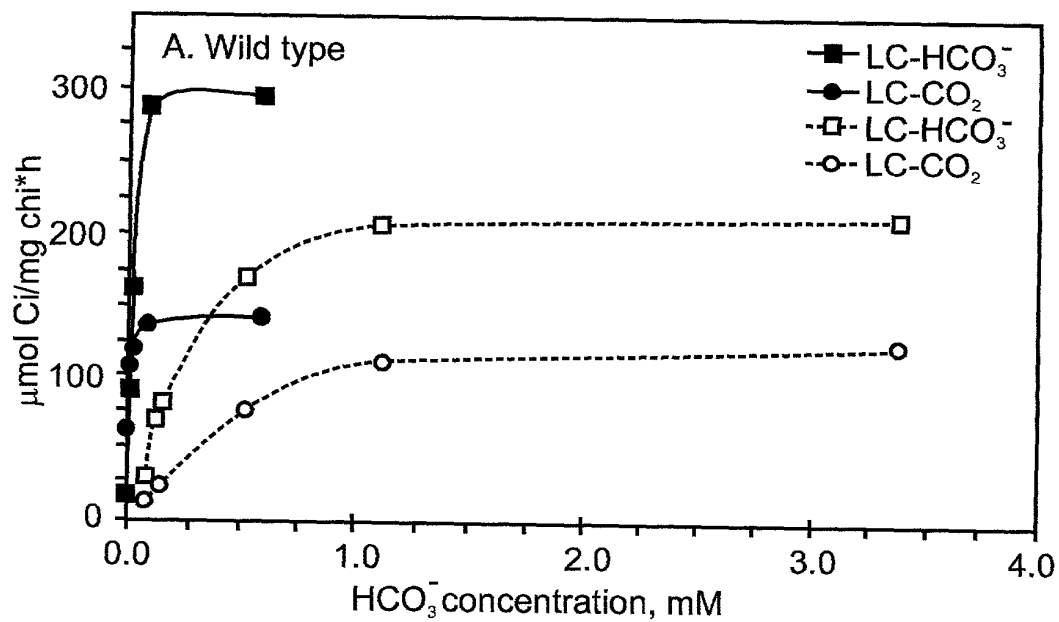


Fig. 4a

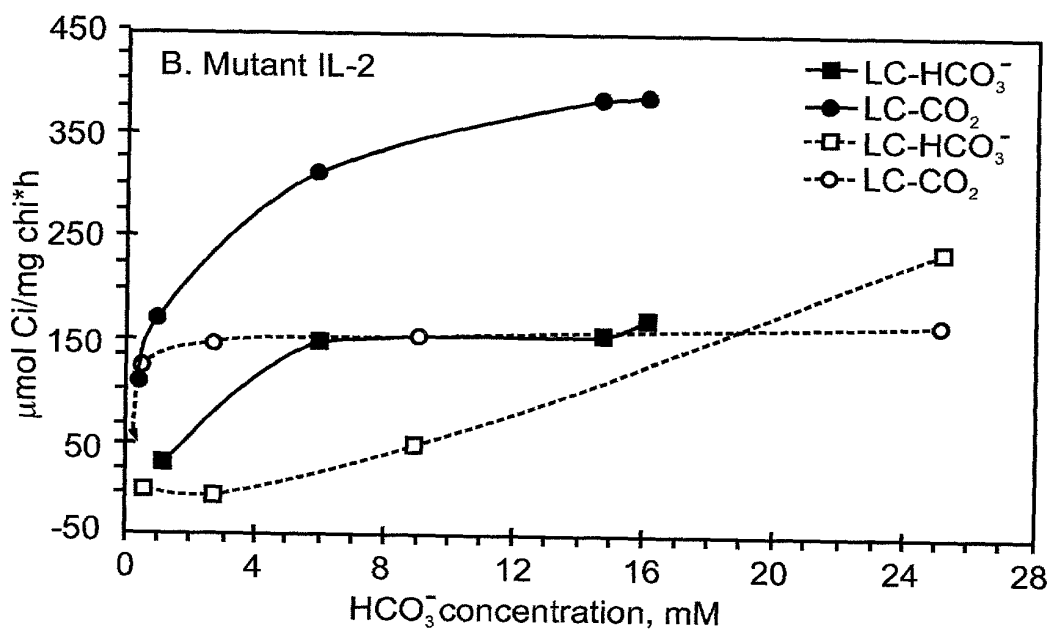


Fig. 4b

Wild type	GGGCT-AGCCGCGATCGCGCCTATTGGGCCC	(SEQ ID NO: 6)
IL-2 ApaI side	GGGCT-AG--G-GATCGC-GCCTATTGGGCCC	(SEQ ID NO: 7)
IL-2 BamHI side	GGGCTCA-----GATCGC-GCCTATTGGGCCC	(SEQ ID NO: 8)
IctB	G L A A I A A A Y W A L	(SEQ ID NO: 9)

Fig. 5

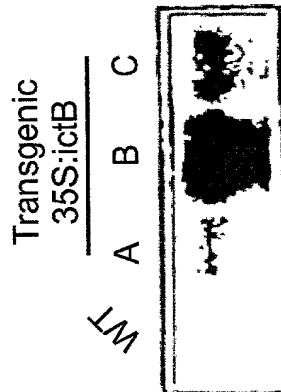


Fig. 6